ওয়াই-ক্রোমোজোমের (Y-chromosome) বৈচিত্র্য নির্দেশ করে যে, অস্ট্রো-এশিয়াটিক ভাষাভাষী জনগোষ্ঠী মূলত পূর্ব এশিয়া থেকে দক্ষিণমুখী উৎস হয়ে প্যালিওলিথিক (পুরা প্রস্তর যুগ) যুগের এক ফিরতি অভিবাসনের (backwave migration) মাধ্যমে ভারতীয় উপমহাদেশে এসেছিল।

Xiaoming Zhang, Shiyu Liao, Xuebin Qi, Jiewei Liu, Jatupol Kampuansai, Hui Zhang, Zhaohui Yang, Bun Serey, Tuot Sovannary, Long Bunnath, Hong Seang Aun, Ham Samnom, Daoroong Kangwanpong, Hong Shi & Bing Su

সারসংক্ষেপ (Abstract)

এশিয়ার একটি সুনির্দিষ্ট ওয়াই-ক্রোমোজোম বংশধারা (O2a1-M95)—যা বঙ্গোপসাগরের উভয় পাড়ে বসবাসকারী অস্ট্রো-এশিয়াটিক (AA) ভাষাভাষী জনগোষ্ঠীর প্রধান পিতৃবংশধারা—তা নিয়ে বিশ্লেষণের ফলে এই গোষ্ঠীর ভৌগোলিক উৎপত্তি এবং অভিবাসনের পথ সম্পর্কে দুটি পরস্পরবিরোধী অনুকল্প (hypothesis) তৈরি হয়েছে। একটি অনুকল্পের দাবি হলো, অস্ট্রো-এশিয়াটিক ভাষাভাষীদের উৎপত্তি ভারতে এবং সেখান থেকে তারা পূর্ব দিকে দক্ষিণ-পূর্ব এশিয়ায় ছড়িয়ে পড়েছিল; আর অন্য অনুকল্পটি বলছে, তাদের উৎপত্তি দক্ষিণ-পূর্ব এশিয়ায় এবং সেখান থেকে তারা পশ্চিম দিকে ভারতের দিকে পাড়ি জমিয়েছিল।

এই গবেষণায়, আমরা মূল ভূখণ্ডের দক্ষিণ-পূর্ব এশিয়া (MSEA) এবং দক্ষিণ চীন থেকে অস্ট্রো-এশিয়াটিক ভাষাভাষী জনগোষ্ঠীর নমুনা সংগ্রহ করেছি এবং O2a1-M95 বংশধারার অন্তর্ভুক্ত ৩৪৩ জন পুরুষের ১৬টি Y-STR-এর জিনোটাইপ নির্ধারণ করেছি। আমাদের সংগৃহীত নমুনার সাথে পূর্ববর্তী তথ্য-উপাত্ত যুক্ত করে আমরা ওয়াই-ক্রোমোজোম এবং এমটিডিএনএ (mtDNA/মাতৃবংশীয় ডিএনএ) উভয়ের বৈচিত্র্য বিশ্লেষণ করেছি। এর মাধ্যমে আমরা এশিয়ায় O2a1-M95 বংশধারার একটি পূর্ণাঙ্গ চিত্র তৈরি করতে পেরেছি।

আমরা প্রমাণ করেছি যে, O2a1-M95 বংশধারাটি প্রায় ২০ থেকে ৪০ হাজার বছর আগে দক্ষিণ পূর্ব-এশিয়ার দাইক (Daic) ভাষাভাষী জনগোষ্ঠীর মধ্যে উৎপত্তি লাভ করেছিল। এরপর 'সর্বশেষ হিমযুগীয় সর্বোচ্চ সীমার' (Last Glacial Maximum) পর তারা দক্ষিণ দিকে দক্ষিণ-পূর্ব এশিয়ায় ছড়িয়ে পড়ে এবং পরবর্তীতে পশ্চিম দিকে ভারতীয় উপমহাদেশে প্রবেশ করে। এই অভিবাসনের ফলেই অস্ট্রো-এশিয়াটিক ভাষাভাষী জনগোষ্ঠীর মধ্যে বর্তমানে এই ওয়াই-ক্রোমোজোম বংশধারার উপস্থিতি দেখা যায়। তবে, এমটিডিএনএ (mtDNA) বৈচিত্র্যের পরবর্তী বিশ্লেষণে ভিন্ন একটি রূপ দেখা গেছে, যা ভারতে অস্ট্রো-এশিয়াটিক ভাষাভাষী জনগোষ্ঠীর মধ্যে পূর্বে ধারণাকৃত "লিঙ্গ-ভিত্তিক মিশ্রণ" (sex-biased admixture)-এর তত্ত্বটিকে সমর্থন করে।

ভূমিকা (Introduction)

বিজ্ঞানীদের মধ্যে এই বিষয়ে একটি ব্যাপক ঐক্যমত রয়েছে যে, আধুনিক মানুষের উৎপত্তি আফ্রিকায় হয়েছিল এবং এরপর প্রায় ৬০ হাজার বছর আগে (KYA) তারা ভারতীয় উপমহাদেশের উপকূলীয় পথ ধরে এশিয়ায় স্থানান্তরিত হয়েছিল১,২,৩,৪,৫,৬,৭। তবে, পরবর্তী সময়ে এশিয়াজুড়ে এই আদিম জনগোষ্ঠীর ছড়িয়ে পড়ার বিষয়টি অনেক কম স্পষ্ট। ভাষাতাত্ত্বিক বিশ্লেষণের মাধ্যমে পূর্ব এশিয়া এবং দক্ষিণ এশিয়ার এশীয় জনগোষ্ঠীগুলোকে আটটি ভাষা পরিবারে বিভক্ত করা হয়েছে: আলতাইক (Altaic), সিনো-তিব্বতি (Sino-Tibetan বা ST; যা হান এবং তিব্বতি-বর্মি বা TB উপশাখায় বিভক্ত), দাইক (Daic), হ্মং-মিয়েন (Hmong-Mien বা HM), অস্ট্রো-এশিয়াটিক (Austro-Asiatic বা AA), অস্ট্রোনেশিয়ান (Austronesian বা AU), দ্রাবিড় (Dravidian বা DR) এবং ইন্দো-ইউরোপীয় (Indo-European বা IE)। মূল ভূখণ্ডের চীন এবং সাইবেরিয়ায় ব্যাপক বিস্তৃতির কারণে আলতাইক এবং সিনো-তিব্বতি উভয়ই দুটি উত্তরের ভাষা পরিবার গঠন করেছে; দ্রাবিড় ও ইন্দো-ইউরোপীয় হলো

ভারতীয় উপমহাদেশের দুটি প্রধান ভাষা পরিবার; অন্যদিকে দাইক, হ্মং-মিয়েন, অস্ট্রো-এশিয়াটিক এবং অস্ট্রোনেশিয়ান হলো দক্ষিণের ভাষা পরিবার, যা মূলত দক্ষিণ চীন এবং দক্ষিণ-পূর্ব এশিয়ায় বিস্তৃত।

এশিয়ায় মানব জনগোষ্ঠীর উৎপত্তি এবং অভিবাসনের ধরণ মানচিত্রে ফুটিয়ে তোলার জন্য এই ভাষাতাত্ত্বিক পরিবারগুলোকে ব্যবহার করার প্রচেষ্টাগুলোর মধ্যে ঐক্যমত অনেক কম দেখা গেছে। উদাহরণস্বরূপ, দক্ষিণের ভাষা পরিবারগুলোর মধ্যে অস্ট্রো-এশিয়াটিক (AA) পরিবারের একটি কিছুটা অনন্য ভৌগোলিক বিস্তৃতি রয়েছে; এটি কেবল দক্ষিণ চীন এবং দক্ষিণ-পূর্ব এশিয়ায় নয়, ভারতেও ব্যাপকভাবে বিস্তৃত। ফলশ্রুতিতে, জনসংখ্যার দিক থেকে অস্ট্রো-এশিয়াটিক হলো বিশ্বের অষ্টম বৃহত্তম ভাষা পরিবার (১০ কোটি ৪০ লাখ)৮, যার দুটি প্রধান শাখা রয়েছে: একটি হলো পূর্ব, উত্তর-পূর্ব এবং মধ্য ভারতের মুন্ডা (Munda) শাখা, এবং অন্যটি হলো মন-খ্মের (Mon-Khmer) শাখা—যা উত্তর-পূর্ব ভারত থেকে আন্দামান-নিকোবর দ্বীপপুঞ্জ, মালয় উপদ্বীপ এবং মূল ভূখণ্ডের দক্ষিণ-পূর্ব এশিয়ার (MSEA) বিশাল মেকং ডেল্টা (নদীবদ্বীপ) পর্যন্ত বিস্তৃত। কম্বোডিয়া, ভিয়েতনাম, লাওস, থাইল্যান্ড, বার্মা (মিয়ানমার) এবং মালয়েশিয়ার অনেক নৃগোষ্ঠীর প্রথম বা মাতৃভাষা হলো এই অস্ট্রো-এশিয়াটিক এবং এটি কম্বোডিয়া ও ভিয়েতনামের প্রধান সরকারি ভাষা হিসেবে ব্যবহৃত হয়। এই বাস্তবতাগুলোকে বিবেচনায় নিয়ে, অস্ট্রো-এশিয়াটিক ভাষাভাষী জনগোষ্ঠীর ভৌগোলিক উৎপত্তি এবং প্রাগৈতিহাসিক অভিবাসন পথ সম্পর্কে কয়েক দশক ধরে চলা গবেষণা দীর্ঘস্থায়ী বিতর্কের জন্ম দিয়েছে।

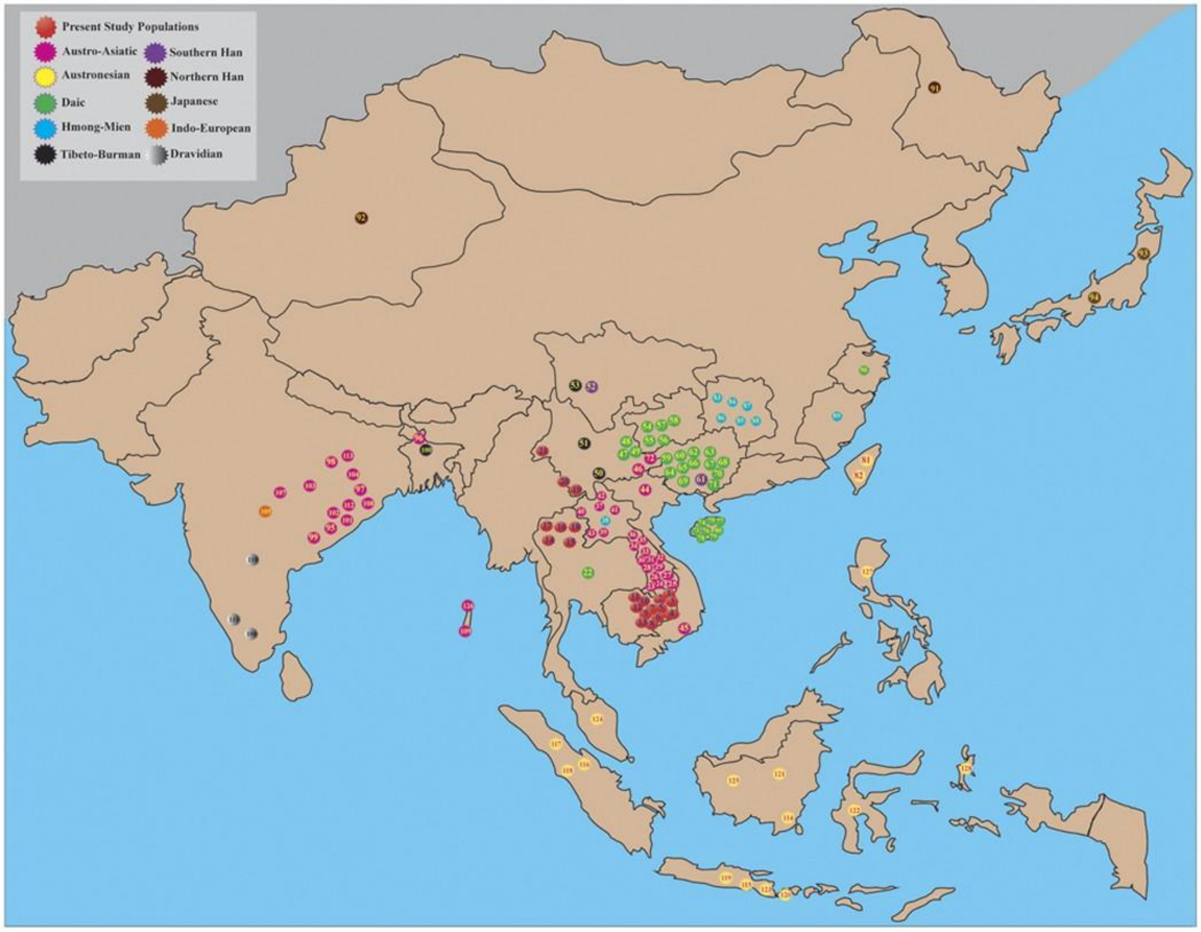
একইভাবে, অস্ট্রো-এশিয়াটিক (AA) ভাষাভাষী জনগোষ্ঠীর উৎপত্তি এবং অভিবাসনের ইতিহাস চিহ্নিত করার জন্য জিনগত (genetic) উপাত্তের বিশ্লেষণও দুটি প্রতিদ্বন্দ্বী অনুকল্পের (hypothesis) জন্ম দিয়েছে৯,১০,১১,১২,১৩,১৪,১৫। মাতৃবংশীয় ধারার (mtDNA) উপাত্ত ভারতের মুন্ডা-ভাষী এবং দক্ষিণ-পূর্ব এশিয়ার মন-খ্মের-ভাষীদের মধ্যে একটি স্পষ্ট পার্থক্য দেখায়, যেখানে তাদের মধ্যে কোনো সাধারণ (shared) এমটিডিএনএ হ্যাপ্লোগ্রুপের উপস্থিতি পাওয়া যায় না৯,১৫,১৬,১৭। এর বিপরীতে, পিতৃবংশীয় ধারার (Y-chromosome) উপাত্ত ভারত (গড়ে ৬৬.৪৪%) এবং দক্ষিণ-পূর্ব এশিয়ার (গড়ে ৫৬.৫৫%) অস্ট্রো-এশিয়াটিক ভাষাভাষীদের মধ্যে এশিয়া-নির্দিষ্ট একটি সাধারণ হ্যাপ্লোগ্রুপ (O2a1-M95)-এর উপস্থিতি নির্দেশ করে৯,১০,১২,১৩,১৮। ভারতে ওয়াই-ক্রোমোজোম শর্ট ট্যান্ডেম রিপিটস (Y-STRs) বৈচিত্র্য থেকে অনুমান করা O2a1-M95 বংশধারার তুলনামূলকভাবে কম বয়স (<১০ হাজার বছর) বিবেচনায় নিলে, অস্ট্রো-এশিয়াটিক ভাষাভাষীদের অভিবাসন পথটি সম্ভবত দক্ষিণ-পূর্ব এশিয়া থেকে শুরু হয়ে ভারতের দিকে অগ্রসর হয়েছিল১১,১২। তবে, মুন্ডা-ভাষী জনগোষ্ঠীর মধ্যে উচ্চ এমটিডিএনএ হ্যাপ্লোটাইপ বৈচিত্র্য১৪,১৫ এবং ভারতের অস্ট্রো-এশিয়াটিক ভাষাভাষীদের মধ্যে O2a1-M95 বংশধারার একটি প্রাচীন মিলনকাল বা কোলিসেন্স এজ (~৬৫ হাজার বছর)-এর স্বাধীন হিসাব১০ ইঙ্গিত করে যে, এদের উৎপত্তি ভারতে হয়েছিল এবং সেখান থেকে সম্ভবত 'সর্বশেষ হিমযুগীয় সর্বোচ্চ সীমার' (LGM, ১৯.০–২৬.৫ হাজার বছর) আগে তারা দক্ষিণ-পূর্ব এশিয়ায় ছড়িয়ে পড়েছিল১৯। এই শেষোক্ত অনুকল্পটি আফ্রিকায় আধুনিক মানুষের উৎপত্তি এবং সেখান থেকে ভারতীয় উপমহাদেশের উপকূলীয় পথ ধরে এশিয়ায় স্থানান্তরিত হওয়ার বহুল স্বীকৃত তত্ত্বের সাথে আরও বেশি সামঞ্জস্যপূর্ণ বলে মনে হয়।

যদিও উভয় তত্ত্বেরই কিছু নিজস্ব বিশেষ যুক্তি রয়েছে, তবে কোনো তত্ত্বই বিভিন্ন গবেষণায় প্রাপ্ত O2a1-M95 বংশধারার আনুমানিক বয়সের মধ্যকার বড় রকমের অসঙ্গতিকে ভালোভাবে ব্যাখ্যা করতে পারেনি। এই অনুমানের লক্ষণীয় পার্থক্যের একটি কারণ হতে পারে ভারতে অস্ট্রো-এশিয়াটিক ভাষাভাষীদের সীমিত নমুনা সংগ্রহ এবং/অথবা ভিন্ন ভিন্ন জিনোটাইপিং পদ্ধতি১০,১২। সৌভাগ্যবশত, সম্প্রতি ভারতে অস্ট্রো-এশিয়াটিক ভাষাভাষীদের আরও বিস্তৃত নমুনা এবং দক্ষিণ-পূর্ব এশিয়ার কিছু নমুনা নিয়ে করা একটি গবেষণা৯ এই অসঙ্গতিগুলোর কিছু অংশ স্পষ্ট করেছে। চৌবে (Chaubey) এবং তাঁর সহকর্মীরা ৬১০কে (610K) অটোজোমাল সিকোয়েন্স বৈচিত্র্য এবং ইউনিপ্যারেন্টাল লোকাই (এক-পিতৃমাতৃক উৎস) এর জিনোম-ব্যাপী স্ক্রিনিংয়ের মাধ্যমে দেখিয়েছেন যে, ভারতের (গড়ে ১৫.৯ ± ১.৬

হাজার বছর) তুলনায় দক্ষিণ-পূর্ব এশিয়ায় O2a1-M95 বংশধারার মিলনকাল আরও প্রাচীন (গড়ে ২২.৪ ± ৪.৯ হাজার বছর)। এই ফলাফলটি অস্ট্রো-এশিয়াটিক ভাষাভাষীদের দক্ষিণ-পূর্ব এশিয়া থেকে পশ্চিম দিকে ভারতে স্থানান্তরিত হওয়ার প্রস্তাবিত তত্ত্বটিকে আরও বেশি নির্ভরযোগ্য করে তোলে। চৌবে এবং তাঁর সহকর্মীরা এমটিডিএনএ বংশধারায় একটি ভিন্ন রূপ প্রদর্শনের মাধ্যমে বহিরাগত অস্ট্রো-এশিয়াটিক ভাষাভাষীদের সাথে ভারতের স্থানীয় জনগোষ্ঠীর একটি "লিঙ্গ-ভিত্তিক মিশ্রণ" (sex-specific admixture)-এর প্রস্তাবও করেছেন৯।

চৌবে (Chaubey) এবং তাঁর সহকর্মীদের উপাত্তের অবদান এবং অস্ট্রো-এশিয়াটিক (AA) ভাষাভাষীদের ওপর অসংখ্য অন্যান্য গবেষণা থাকা সত্ত্বেও, মূল ভূখণ্ডের দক্ষিণ-পূর্ব এশিয়া (MSEA) এবং দক্ষিণ চীনের অস্ট্রো-এশিয়াটিক জনগোষ্ঠীগুলোর নমুনা সংগ্রহ ও প্রতিনিধিত্ব এখনও অপ্রতুল রয়ে গেছে। একইভাবে, নির্দিষ্ট কিছু জনগোষ্ঠীতে—যেমন দাইক (Daic) ভাষাভাষী জনগোষ্ঠীতে O2a1-M95 এর প্রায় ৪৫% উচ্চ উপস্থিতি২০,২১,২২,২৩ থাকা সত্ত্বেও আজ পর্যন্ত এই বিশ্লেষণে দক্ষিণের অন্য কোনো জনগোষ্ঠীকে অন্তর্ভুক্ত করা হয়নি। এই অসতর্কতাগুলোর পাশাপাশি বিদ্যমান জিনোমিক বিশ্লেষণও কিছু ত্রুটি-বিচ্যুতির সম্মুখীন। উদাহরণস্বরূপ, ইলুমিনা হিউম্যান হ্যাপ ৬১০কে চিপস (Illumina Human Hap 610K Chips) তৈরি করা হয়েছিল বিশ্বের সীমিত কিছু জনগোষ্ঠীর মধ্যে চিহ্নিত সিকোয়েন্স বৈচিত্র্যকে অন্তর্ভুক্ত করে; যা পর্যায়ক্রমে অনুমিতভাবে প্রাচীন এই অস্ট্রো-এশিয়াটিক জনগোষ্ঠীগুলোর মধ্যে জিনগত সম্পর্ক সনাক্ত করার ক্ষমতাকে সীমিত করে দেয়। বিদ্যমান গবেষণার সহজাত নমুনা সংগ্রহ, পদ্ধতিগত এবং প্রযুক্তিগত সীমাবদ্ধতার কারণে মৌলিক প্রশ্নগুলো—যেমন ও-টু-এ-ওয়ান-এম-নাইনটিফাইভ (O2a1-M95) বহনকারী অস্ট্রো-এশিয়াটিক ভাষাভাষীদের মূলত কোথায় উদ্ভব হয়েছিল, কিংবা এশিয়ায় এটি কবে থেকে বিস্তৃত হতে শুরু করেছিল—আজও অনুত্তরিত রয়ে গেছে।

এই গবেষণায়, আমরা কম্বোডিয়া, থাইল্যান্ড এবং দক্ষিণ চীন থেকে ২১টি অস্ট্রো-এশিয়াটিক ভাষাভাষী জনগোষ্ঠীর নমুনা (সর্বমোট ৬৪৬ জন পুরুষ) সংগ্রহ করেছি (চিত্র ১)। O2a1-M95 বংশধারার অন্তর্ভুক্ত ব্যক্তিদের (৬৪৬ জনের মধ্যে ৩৪৩ জন)১৮ জন্য আমরা ১৬টি Y-STR-এর জিনোটাইপিং পরিচালনা করেছি। এর পাশাপাশি আমরা ১০৭টি জনগোষ্ঠীর O2a1-M95 বাহকদের প্রকাশিত উপাত্তও সংগ্রহ করেছি (সর্বমোট ৭,৬৯৩ জন পুরুষের মধ্যে ২,৫১০ জন O2a1-M95 বাহক), যা অস্ট্রো-এশিয়াটিক ভাষাভাষীদের সমস্ত ভৌগোলিক বিস্তৃতির পাশাপাশি পূর্ব এশিয়া ও ভারতের অন্যান্য প্রধান ভাষা পরিবারগুলোকে কভার করে। আজ পর্যন্ত, এই উপাত্ত O2a1-M95 বৈচিত্র্যের সবচেয়ে ব্যাপক ও পূর্ণাঙ্গ সংগ্রহকে চিহ্নিত করে। আমাদের বিশ্লেষণ দেখিয়েছে যে, O2a1-M95 বংশধারাটি প্রাথমিকভাবে প্রায় ২০-৪০ হাজার বছর আগে (KYA) পূর্ব এশিয়ার দক্ষিণ অংশে দাইক-ভাষী জনগোষ্ঠীর মধ্যে উৎপত্তি লাভ করেছিল; যার পরে প্রায় ১৬ হাজার বছর আগে মূল ভূখণ্ডের দক্ষিণ-পূর্ব এশিয়ার (MSEA) প্রাণকেন্দ্রে একটি দক্ষিণমুখী বিস্তার ঘটে এবং পরবর্তীতে প্রায় ১০ হাজার বছর আগে পশ্চিম দিকে ভারতে একটি অভিবাসন ঘটে। তদুপরি, এই অস্ট্রো-এশিয়াটিক জনগোষ্ঠী এবং অন্যান্য এশীয় জনগোষ্ঠীসহ ২০,০০০-এরও বেশি এমটিডিএনএ (mtDNA) সিকোয়েন্সের বিশ্লেষণ প্রমাণ করেছে যে, এই অস্ট্রো-এশিয়াটিক জনগোষ্ঠীর ক্ষেত্রে মাতৃবংশীয় ধারাটি ওয়াই-ক্রোমোজোম থেকে ভিন্ন একটি রূপ প্রদর্শন করে; যা ভারতীয় উপমহাদেশে বহিরাগত অস্ট্রো-এশিয়াটিক অভিবাসীদের সাথে স্থানীয় জনগণের পূর্বে ধারণাকৃত "লিঙ্গ-ভিত্তিক মিশ্রণ" (sex-biased admixture)-এর তত্ত্বটিকে সমর্থন করে।



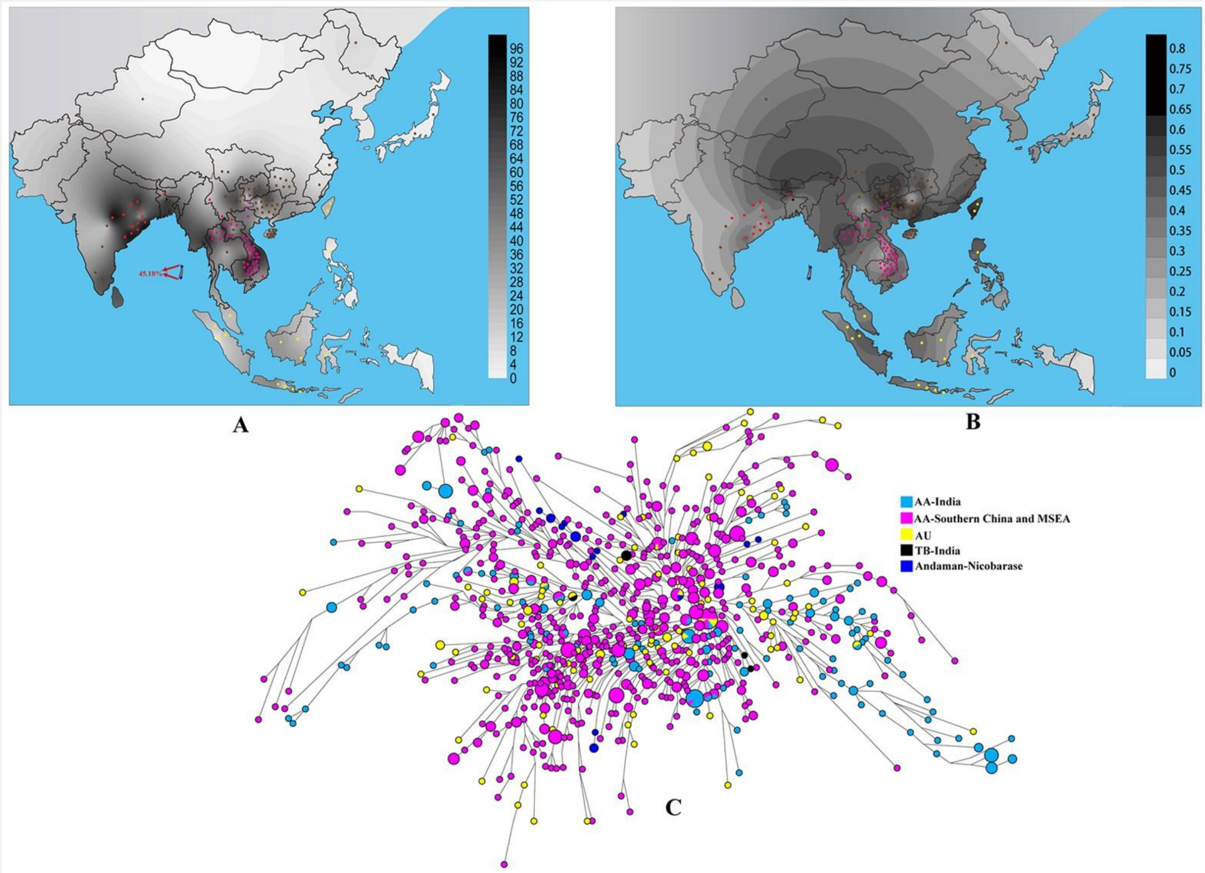
Geographic locations of the studied populations in Asia that contain the O2a1-M95 lineage. Populations are color-coded based on their language families

ফলাফল (Results)

মূল ভূখণ্ডের দক্ষিণ-পূর্ব এশিয়া (MSEA) এবং দক্ষিণ চীনের অস্ট্রো-এশিয়াটিক (AA) জনগোষ্ঠীতে উচ্চ O2a1-M95 এর উপস্থিতি

পূর্ববর্তী গবেষণায় দেখা গেছে যে, O2a1-M95 বংশধারাটি ভারতের কিছু অস্ট্রো-এশিয়াটিক জনগোষ্ঠীর মধ্যে অত্যন্ত প্রচলিত; যেমন মুন্ডা এবং মন-খ্মেমের জনগোষ্ঠীর মধ্যে এর উপস্থিতি যথাক্রমে সর্বোচ্চ ৬৭.৫৩% এবং ৭৪.০০% পর্যন্ত[৯,১০]। আমরা পূর্ববর্তী গবেষণায় অন্তর্ভুক্ত না হওয়া কম্বোডিয়া (৭০.৬৭%), থাইল্যান্ড (৫২.৫১%) এবং দক্ষিণ চীনের (৩০.০০%) অস্ট্রো-এশিয়াটিক জনগোষ্ঠীগুলোর মধ্যেও O2a1-M95 এর উচ্চ উপস্থিতি লক্ষ্য করেছি (চিত্র ২A, সারণী ১ এবং সম্পূরক সারণী S2)[১০,১১,১২,১৫]। আন্দামান-নিকোবর দ্বীপপুঞ্জেও O2a1-M95 ব্যাপকভাবে বিস্তৃত ছিল (গড়ে ~৪৫.১৮%) এবং শম্পেন (Shompen) ও ওঙ্গে (Onge) এর মতো বেশ কয়েকটি জনগোষ্ঠীর মধ্যে এটি সম্পূর্ণ স্থায়ী বা ফিক্সড (১০০%) অবস্থায় রয়েছে[৯,১০]। এই দ্বীপের জনগোষ্ঠীগুলোতে একটি তীব্র 'বটলনেক প্রভাব' (bottleneck effect - কোনো দুর্যোগ বা ভৌগোলিক কারণে জনসংখ্যা হঠাৎ মারাত্মকভাবে কমে যাওয়ার ফলে জিনগত বৈচিত্র্য হ্রাস পাওয়া)-এর কারণে সম্ভবত এমনটি ঘটেছে, যা অন্যান্য প্রধান ওয়াই-ক্রোমোজোম বংশধারাতেও (যেমন DE-YAP এবং O3-M22) প্রতিফলিত হয়[২৪,২৫,২৬] (চিত্র ২A এবং সম্পূরক সারণী S2)। পূর্ববর্তী ফলাফলগুলোর সাথে সামঞ্জস্য রেখে, সংগৃহীত সামগ্রিক উপাত্ত দেখায় যে O2a1-M95 বংশধারাটি মূল ভূখণ্ডের দক্ষিণ-পূর্ব এশিয়া (MSEA)

এবং দক্ষিণ চীনসহ প্রায় সমস্ত অস্ট্রো-এশিয়াটিক জনগোষ্ঠীর মধ্যেই প্রধান বা প্রভাবশালী বংশধারা। এটি অস্ট্রো-এশিয়াটিক জনগোষ্ঠীগুলোর পিতৃবংশীয় প্রাগৈতিহাসিক ইতিহাস সন্ধানের জন্য একটি অত্যন্ত তথ্যবহুল জিনগত নির্দেশক (genetic marker)।

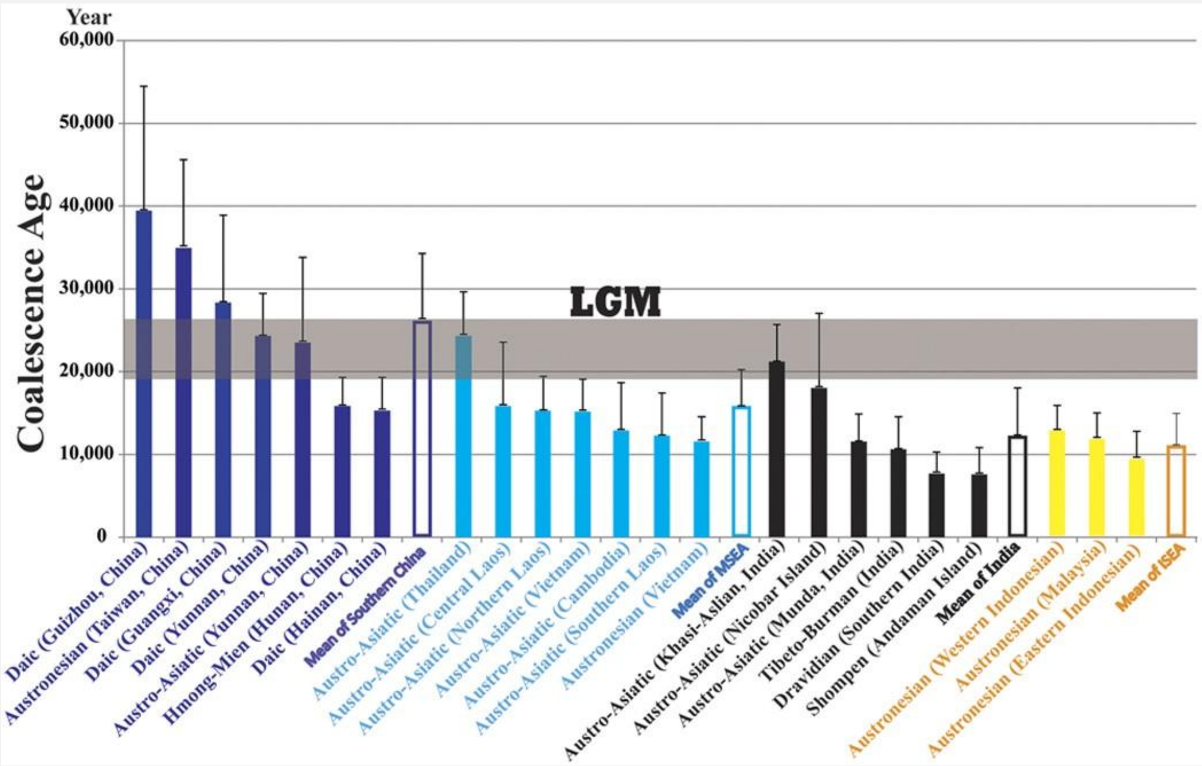


Frequency distribution, Uh diversity and phylogenetic structure of the O2a1-M95 lineages among Asian populations. Contour map shows the frequency (**A**) and Y-STRs Uh diversity (**B**) of lineage O2a1-M95 in Asia. Colored dots indicate the geographic locations of the analysed populations that correspond with Fig. 1; Bars indicate the frequency and Uh diversity spectrum respectively. (**C**) Phylogenetic network of Y-STRs haplotypes among O2a1-M95 populations generated from the following 14 Y-STRs: DYS19, DYS389 I, DYS389II, DYS390, DYS391, DYS392, DYS393, DYS437, DYS438, DYS439, DYS448, DYS458, DYS635 and GATA H4; Circles size is proportional to the number of samples.

Y-STRs বৈচিত্র্যের ওপর ভিত্তি করে বিভিন্ন এশীয় জনগোষ্ঠীর O2a1-M95 বংশধারার সময়কাল নির্ধারণ

পূর্ববর্তী গবেষণাগুলোতে মূল ভূখণ্ডের দক্ষিণ-পূর্ব এশিয়া (MSEA) এবং দক্ষিণ চীন থেকে খুব কম সংখ্যক অস্ট্রো-এশিয়াটিক (AA) জনগোষ্ঠীর নমুনা সংগ্রহ করা হয়েছিল৯,১০,১২। নমুনার এই ঘাটতি পূরণ করতে, আমরা কম্বোডিয়া, থাইল্যান্ড এবং দক্ষিণ চীন থেকে বিস্তৃত পরিসরে অস্ট্রো-এশিয়াটিক ভাষাভাষী জনগোষ্ঠীর নমুনা সংগ্রহ করেছি১৮ এবং O2a1-M95 বংশধারার অন্তর্ভুক্ত নমুনাগুলোর ১৬টি Y-STRs লোকাই-এর জিনোটাইপ নির্ধারণ করেছি (চিত্র ১, সারণী ১ এবং সম্পূরক সারণী S1)। এই নমুনাগুলোকে পূর্ববর্তী উপাত্তের সাথে একীভূত করে, আমরা বিভিন্ন আঞ্চলিক জনগোষ্ঠীর মধ্যে O2a1-M95 বংশধারার সময়কাল নির্ধারণ করেছি (চিত্র ৩, সম্পূরক সারণী S3 এবং S4)। আমরা লক্ষ্য

করেছি যে, মূল ভূখণ্ডের দক্ষিণ অংশ ও তাইওয়ানের জনগোষ্ঠীগুলোর মধ্যে O2a1-M95 বংশধারার ‘সবচেয়ে সাম্প্রতিক সাধারণ পূর্বপুরুষের সময়কাল’ বা টিএমআরসিএ (TMRCA - Time of Most Recent Common Ancestor) সবচেয়ে প্রাচীন (~২০–৪০ হাজার বছর আগে); যার মধ্যে অধিকাংশ জনগোষ্ঠীই দাইক (Daic) ভাষাভাষী (চিত্র ৩, সম্পূরক সারণী S3 এবং S4)। দক্ষিণ চীনের এই দাইক এবং অস্ট্রোনেশিয়ান জনগোষ্ঠীর গড় টিএমআরসিএ (TMRCA) হলো প্রায় ৩০ হাজার বছর আগে, যা মূল ভূখণ্ডের দক্ষিণ-পূর্ব এশিয়া (~১৬ হাজার বছর আগে), ভারত (~১০ হাজার বছর আগে) কিংবা দ্বীপময় দক্ষিণ-পূর্ব এশিয়ার (ISEA, ~১১ হাজার বছর আগে) তুলনায় উল্লেখযোগ্যভাবে প্রাচীন (চিত্র ৩, সম্পূরক সারণী S3 এবং S4)। মূল ভূখণ্ডের দক্ষিণ-পূর্ব এশিয়া (MSEA), দ্বীপময় দক্ষিণ-পূর্ব এশিয়া (ISEA) এবং ভারতের অস্ট্রো-এশিয়াটিক ভাষাভাষীদের আনুমানিক মিলনকাল (coalescence ages) চৌবে (Chaubey) এবং তাঁর সহকর্মীদের দ্বারাreported তথ্যের মতোই৯। একই সাথে, দাইক জনগোষ্ঠীতে O2a1-M95 বংশধারার আনুমানিক বয়স একই ভৌগোলিক অঞ্চলে তার সহোদর বা সিস্টার বংশধারাগুলোর (O3-M122 এবং C-M130) আনুমানিক বয়সের সাথে সামঞ্জস্যপূর্ণ ছিল৩,২৭, যা দাইক জনগোষ্ঠীর প্রাচীনত্বের দাবিটিকে সমর্থন করে। প্রমাণের এই ধারাগুলো ইঙ্গিত করে যে, ও-টু-এ-ওয়ান-এম-নাইনটিফাইভ (O2a1-M95) বংশধারাটি প্রাথমিকভাবে দক্ষিণ চীনে বসবাসকারী দাইক জনগোষ্ঠীর মধ্যে উৎপত্তি লাভ করেছিল; যার পরে ‘সর্বশেষ হিমযুগীয় সর্বোচ্চ সীমার’ (LGM, ১৯.০–২৬.৫ হাজার বছর আগে)১৯ অবসান ঘটলে মূল ভূখণ্ডের দক্ষিণ-পূর্ব এশিয়ায় (MSEA) একটি দক্ষিণমুখী বিস্তার ঘটে এবং পরবর্তীতে ভারত ও দ্বীপময় দক্ষিণ-পূর্ব এশিয়ায় (ISEA) অভিবাসন সম্পন্ন হয়।

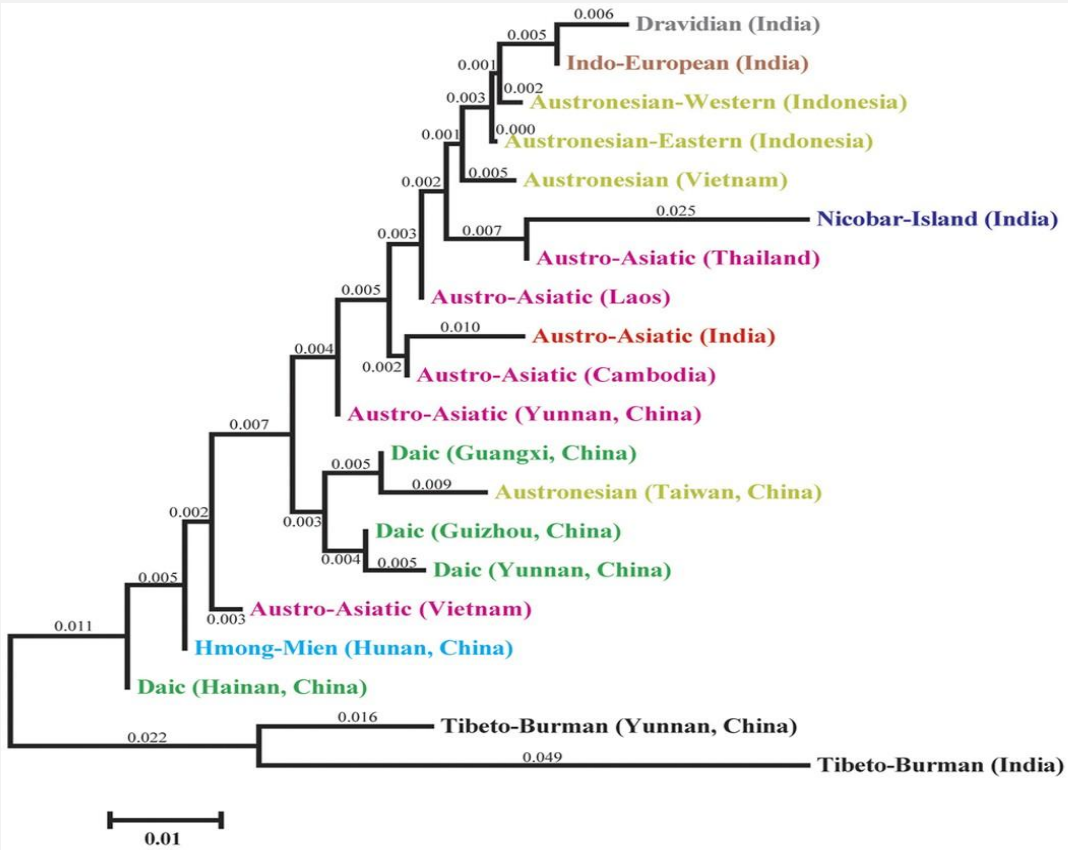


Comparison of coalescence ages of the O2a1-M95 lineages among diffenent geographic populations.

The age of each geographic or linguistic group was calculated by taking the average of respective populations from supplementary Table S3.

বিভিন্ন ভৌগোলিক জনগোষ্ঠীর মধ্যে O2a1-M95 বংশধারার হ্যাপ্লোটাইপ বৈচিত্র্যের তুলনা

আনুমানিক টিএমআরসিএ (TMRCAs)-এর সাথে সামঞ্জস্য রেখে, O2a1-M95 বংশধারার নিরপেক্ষ (unbiased) Y-STRs হ্যাপ্লোটাইপ বৈচিত্র্য দক্ষিণ চীনের জনগোষ্ঠীগুলোর মধ্যে সবচেয়ে বেশি (গড়ে ~০.৫০১৭), বিশেষ করে দাইক জনগোষ্ঠীর মধ্যে। এরপরে রয়েছে মূল ভূখণ্ডের দক্ষিণ-পূর্ব এশিয়া বা MSEA (~০.৩৮৫৮), দ্বীপময় দক্ষিণ-পূর্ব এশিয়া বা ISEA (~০.৩৬৮০) এবং সবশেষে ভারত (~০.৩১৬৮) (চিত্র ২B এবং সম্পূরক সারণী S5)। এই সম্পূর্ণ ক্রমটি দক্ষিণ চীন থেকে মূল ভূখণ্ডের দক্ষিণ-পূর্ব এশিয়ায় (MSEA) এবং তারপর সেখান থেকে দ্বীপময় দক্ষিণ-পূর্ব এশিয়া (ISEA) ও ভারতে যাওয়ার প্রস্তাবিত অভিবাসন পথের সাথে মিলে যায়। আমরা পরবর্তীতে Fst (ফিক্সেশন ইনডেক্স) দ্বারা পরিমাপকৃত জোড়ভিত্তিক জিনগত দূরত্ব (pairwise genetic distances) গণনা করেছি (সম্পূরক সারণী S6) এবং Y-STRs বৈচিত্র্যের ওপর ভিত্তি করে একটি আন-রুটেড নেইবার-জয়েনিং (NJ) বৃক্ষ বা ট্রি তৈরি করেছি। এই ট্রি-টি দেখিয়েছে যে, জনগোষ্ঠীগুলো মূলত তাদের নিজ নিজ ভাষা পরিবার অনুযায়ী দলবদ্ধ (cluster) হয়েছে, ভৌগোলিক অঞ্চল অনুযায়ী নয়। ট্রির এই গঠনটি ভাষা পরিবারের অভ্যন্তরীণ জিনগত সাদৃশ্য বা আস্থার (genetic affinity) ইঙ্গিত দেয়, যদিও বেশ কিছু আকর্ষণীয় ব্যতিক্রমও দেখা গেছে (চিত্র ৪)। ভারতের অস্ট্রো-এশিয়াটিক (AA) জনগোষ্ঠীগুলো ভারতের দ্রাবিড় এবং ইন্দো-ইউরোপীয় ভাষাভাষীদের সাথে দলবদ্ধ না হয়ে কম্বোডিয়ার অস্ট্রো-এশিয়াটিক জনগোষ্ঠীগুলোর সাথে দলবদ্ধ হয়েছে। এই গ্রুপিংটি অস্ট্রো-এশিয়াটিক জনগোষ্ঠীগুলোর মধ্যে অনুমিত সাধারণ জিনগত বংশানুক্রমের (shared genetic ancestry) দাবিটিকে জোরালোভাবে সমর্থন করে, যা চৌবে (Chaubey) এবং তাঁর সহকর্মীদের পূর্ববর্তী পর্যবেক্ষণের সাথে সামঞ্জস্যপূর্ণ৯। ও-টু-এ-ওয়ান-এম-নাইনটিফাইভ (O2a1-M95)-এর Y-STRs ভিত্তিক ফাইলোজেনেটিক নেটওয়ার্কেও আমরা একটি স্পষ্ট ভৌগোলিক ক্লাস্টারিং বা দলবদ্ধতার অভাব লক্ষ্য করেছি (চিত্র ২C), যা সম্ভবত আঞ্চলিক অস্ট্রো-এশিয়াটিক ভাষাভাষীদের মধ্যে নিরবচ্ছিন্ন জিন প্রবাহের (gene flows) কারণে ঘটেছে৯।



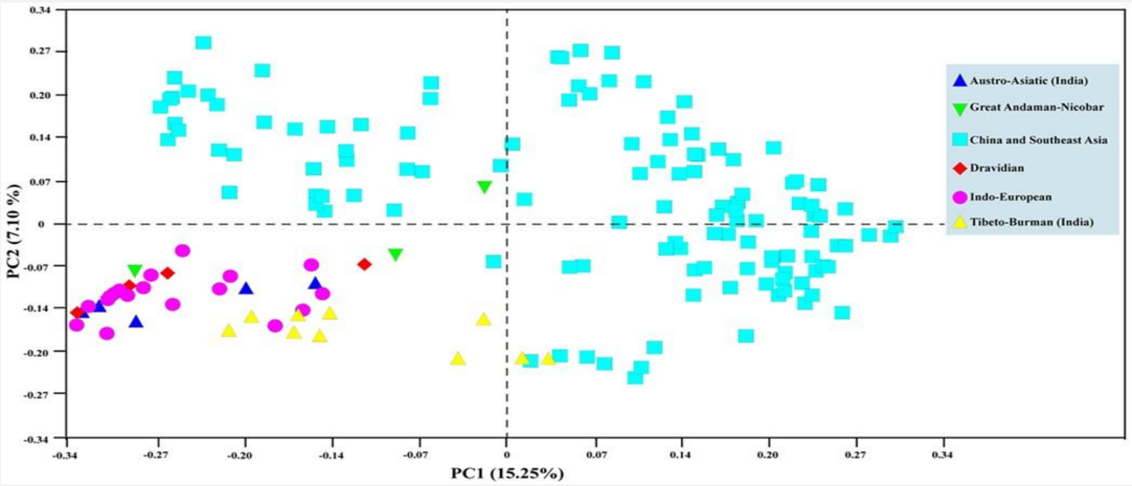
NJ-tree constructed of Y-STRs variations among different language family populations.

Different linguistic families are shown using different colors. Branch length values are indicated above the branch.

মজার বিষয় হলো, আমাদের বিশ্লেষণটি পূর্ববর্তী বেশ কয়েকটি পর্যবেক্ষণ থেকে ভিন্ন ফলাফল দেখিয়েছে, যেগুলোতে অন্য অস্ট্রো-এশিয়াটিক (AA) ভাষাভাষীদের থেকে আন্দামান-নিকোবর দ্বীপপুঞ্জের জনগোষ্ঠীর একটি স্পষ্ট বিচ্ছিন্নতা বা অপসরণ (divergence) পাওয়া গিয়েছিল৯। এখানে, আমরা এই বিচ্ছিন্ন দ্বীপের জনগোষ্ঠীগুলোর সাথে মূল ভূখণ্ডের দক্ষিণ-পূর্ব এশিয়ার (MSEA) কিছু জনগোষ্ঠীর সাধারণ বা অভিন্ন Y-STRs হ্যাপ্লোটাইপের (shared Y-STRs haplotypes) উপস্থিতি সনাক্ত করেছি (চিত্র ২C)। পূর্ববর্তী গবেষণাগুলোতে মূল ভূখণ্ডের দক্ষিণ-পূর্ব এশিয়ার (MSEA) জনগোষ্ঠীর নমুনা সামগ্রিকভাবে অপ্রতুল থাকার কারণে সম্ভবত এই বিষয়টি তখন স্পষ্ট হয়ে ওঠেনি।

এমটিডিএনএ (mtDNA) বৈচিত্র্য মূল ভূখণ্ডের দক্ষিণ-পূর্ব এশিয়া (MSEA) থেকে ভারতীয় উপমহাদেশে অস্ট্রো-এশিয়াটিক (AA) ভাষাভাষীদের একটি লিঙ্গ-ভিত্তিক অভিবাসনের ইঙ্গিত দেয়

অস্ট্রো-এশিয়াটিক জনগোষ্ঠীগুলোর মাতৃকুল বা মাতৃবংশীয় দিকটি যাচাই করার জন্য, আমরা পূর্ব এশিয়া, দক্ষিণ-পূর্ব এশিয়া এবং দক্ষিণ এশিয়ায় বিস্তৃত ৫৪৫টি জনগোষ্ঠী থেকে ২১,৪৭০টি এমটিডিএনএ (mtDNA) সিকোয়েন্স সংগ্রহ করেছি (সম্পূরক সারণী S7) এবং এমটিডিএনএ বৈচিত্র্যের ধরণগুলো বিশ্লেষণ করেছি। দক্ষিণ এশিয়ার জনগোষ্ঠীগুলোতে ওয়াই-ক্রোমোজোমের O2a1-M95 বংশধারার প্রধান উপস্থিতি (গড়ে ৬৫.৫৩%) এবং অন্যান্য পূর্ব এশিয়া-নির্দিষ্ট বংশধারার (NO, N, O, P এবং Q, সম্পূরক সারণী S8) উচ্চ হারের (যেমন ৪৪.৫৭%) তুলনায়, আমরা দক্ষিণ এশিয়ায় পূর্ব এশিয়া-নির্দিষ্ট মাতৃবংশীয় ধারার (A, B, C, D, F, G, M9 এবং M12) মাত্র ~১৬.৪৬% এমটিডিএনএ সিকোয়েন্স পেয়েছি (সম্পূরক চিত্র S1, S2 এবং সম্পূরক সারণী S9)। এমটিডিএনএ হ্যাপ্লোটাইপ ফ্রিকোয়েন্সি ব্যবহার করে করা পিসিএ (PCA - Principal Component Analysis) বিশ্লেষণটি ভাষা পরিবারের পরিবর্তে ভৌগোলিক অবস্থানের ওপর ভিত্তি করে একটি দলবদ্ধ হওয়ার ধরণ (clustering pattern) নির্দেশ করেছে, যা ওয়াই-ক্রোমোজোমের উপাত্ত থেকে সম্পূর্ণ আলাদা। উদাহরণস্বরূপ, ভারতের অস্ট্রো-এশিয়াটিক (AA) এবং তিব্বতি-বর্মি (TB) জনগোষ্ঠীগুলো দক্ষিণ চীন ও দক্ষিণ-পূর্ব এশিয়ার অন্যান্য অস্ট্রো-এশিয়াটিক জনগোষ্ঠীর সাথে দলবদ্ধ না হয়ে ভারতের দ্রাবিড় এবং ইন্দো-ইউরোপীয় জনগোষ্ঠীর সাথে দলবদ্ধ হয়েছে (চিত্র ৫)। এই অসঙ্গতিটি এই ধারণাকে সমর্থন করে যে, মূল ভূখণ্ডের দক্ষিণ-পূর্ব এশিয়া (MSEA) থেকে ভারতে অস্ট্রো-এশিয়াটিক ভাষাভাষীদের প্রাগৈতিহাসিক অভিবাসনটি সম্ভবত লিঙ্গ-ভিত্তিক (sex-biased) ছিল; যা চৌবে (Chaubey) এবং তাঁর সহকর্মীদের দ্বারা উত্থাপিত ভারতের অস্ট্রো-এশিয়াটিক জনগোষ্ঠীগুলোর অনুমিত "লিঙ্গ-ভিত্তিক মিশ্রণ" (sex-biased admixture)-এর তত্ত্বটিকে নিশ্চিত করে৯।



Map of principal component analysis (PCA) among Asian populations.

Populations of East Asia and South Asia were grouped respectively by geograpghic region and language family. AA and TB-speaking populations closely clustered with DR anf IE populations in the lower left. The first and the second components explain 15.25% and 7.10% of the genetic variance, respectively.

আলোচনা (Discussion)

পূর্ববর্তী সমস্ত গবেষণায়, অস্ট্রো-এশিয়াটিক (AA) জনগোষ্ঠীর উৎপত্তি এবং প্রাগৈতিহাসিক অভিবাসনের ধরণ নিয়ে দুটি প্রধান প্রতিদ্বন্দ্বী ধারণার কারণে ব্যাপক বিতর্কের সৃষ্টি হয়েছে, যার আংশিক কারণ ছিল আরও বিস্তৃত কোনো ভৌগোলিক অঞ্চলের নমুনা অন্তর্ভুক্ত না করা। এই গবেষণায়, আমরা মূল ভূখণ্ডের দক্ষিণ-পূর্ব এশিয়া (MSEA) এবং দক্ষিণ চীন থেকে পদ্ধতিগতভাবে অস্ট্রো-এশিয়াটিক নমুনা সংগ্রহ করে এই প্রতিদ্বন্দ্বী অনুকল্পগুলো পরীক্ষা করেছি এবং গবেষণার অন্তর্ভুক্ত সমস্ত অস্ট্রো-এশিয়াটিক জনগোষ্ঠীর মধ্যে O2a1-M95 বংশধারার উচ্চ উপস্থিতি লক্ষ্য করেছি। এই বৃহত্তর জরিপটি নিশ্চিত করেছে যে, এই ওয়াই-ক্রোমোজোম বংশধারাটি সমস্ত অস্ট্রো-এশিয়াটিক জনগোষ্ঠীর একটি জিনগত বৈশিষ্ট্য (genetic signature) এবং এটি এই জনগোষ্ঠীগুলোর প্রাগৈতিহাসিক চলাচল ও উৎপত্তি অনুসন্ধানের জন্য একটি কার্যকর জিনগত নির্দেশক (genetic marker) হিসেবে কাজ করতে পারে।

এই গবেষণায় সংগৃহীত ওয়াই-ক্রোমোজোমের উপাত্ত ভারতে O2a1-M95 বংশধারার উৎপত্তিকে সমর্থন করে না; বরং এটি দেখায় যে, ভারতের O2a1-M95 বাহকদের আদি উৎস দক্ষিণ চীনে এবং পরবর্তীতে সর্বশেষ হিমযুগীয় সর্বোচ্চ সীমার (LGM) পর প্রায় ১০ হাজার বছর আগে (KYA) তারা মূল ভূখণ্ডের দক্ষিণ-পূর্ব এশিয়া (MSEA) থেকে ভারতে স্থানান্তরিত হয়েছিল। তদুপরি, দক্ষিণ চীনের দাইক (Daic) ভাষাভাষী জনগোষ্ঠীকে অন্তর্ভুক্ত করে করা আমাদের বৃহত্তর বিশ্লেষণে দেখা গেছে যে, এই জনগোষ্ঠীর কাছে সবচেয়ে বৈচিত্র্যময় O2a1-M95 বংশধারা রয়েছে যার গড় মিলনকাল প্রায় ৩০ হাজার বছর। এটি একে O2a1-M95 বহনকারী সমস্ত জানা জনগোষ্ঠীর মধ্যে প্রাচীনতম করে তোলে এবং এর মাধ্যমে এটি প্রমাণ করে যে, এই ওয়াই-ক্রোমোজোম বংশধারাটির প্রাথমিক উৎপত্তি দাইক ভাষাভাষীদের মধ্যে হয়েছিল, যারা প্রথমে দক্ষিণ দিকে মূল ভূখণ্ডের দক্ষিণ-পূর্ব এশিয়ায় (MSEA) এবং পরবর্তীতে প্রায় ১০ হাজার বছর আগে পশ্চিম দিকে ভারতে স্থানান্তরিত হয়েছিল। এই পাণ্ডুলিপিটি প্রস্তুত করার সময়েই, অরুণকুমার (Arunkumar) এবং তাঁর সহকর্মীরা এশীয় জনগোষ্ঠীতে O2a1-M95 এর অনুরূপ একটি বিশ্লেষণ প্রকাশ করেছিলেন২৮ এবং তাদের উপাত্তও পূর্ব-থেকে-পশ্চিমের এই অভিবাসনকে সমর্থন করেছিল, যদিও বয়স নির্ধারণের ক্ষেত্রে ভিন্ন পরিব্যক্তি হার (mutation rates) ও পদ্ধতি ব্যবহারের কারণে তাদের অনুমিত অভিবাসনের সময়কাল আমাদের চেয়ে অনেক কম ছিল। আমাদের এমটিডিএনএ (mtDNA) বৈচিত্র্যের বিশ্লেষণ ইঙ্গিত করে যে, ভারতে ছড়িয়ে পড়ার পর, O2a1-M95 বহনকারী জনগোষ্ঠীগুলো স্থানীয় মাতৃবংশীয় জিন পুল ব্যাপকভাবে গ্রহণ বা শোষণ করেছিল। ভারতীয় উপমহাদেশের উপকূলীয় পথ ধরে আফ্রিকা থেকে পূর্ব এশিয়ায় আধুনিক মানুষের আদিমতম স্থানান্তরের সুপরিচিত তত্ত্বটির বিপরীতে, আমাদের উপাত্ত সর্বশেষ হিমযুগীয় সর্বোচ্চ সীমার (LGM) পর মূল ভূখণ্ডের দক্ষিণ-পূর্ব এশিয়া (MSEA) থেকে ভারতে অস্ট্রো-এশিয়াটিক ভাষাভাষীদের একটি ফিরতি তরঙ্গ (back wave) এবং লিঙ্গ-ভিত্তিক অভিবাসনকে চিত্রিত করে, যা প্যালিওলিথিক (পুরা প্রস্তর) যুগের মানব জনগোষ্ঠীর আরও জটিল প্রাগৈতিহাসিক ইতিহাসের ইঙ্গিত দেয়।

উপাদান এবং পদ্ধতি (Materials and Methods)

জিনোটাইপিং এবং উপাত্ত সংগ্রহ

আমাদের পূর্ববর্তী গবেষণা থেকে O2a1-M95 বংশধারার অন্তর্ভুক্ত ৩৪৩টি পুরুষের নমুনার (সারণী ১)১৮ জন্য, আমরা পূর্বে বর্ণিত পদ্ধতি অনুযায়ী ১৬টি Y-STRs (DYS19/394, DYS388, DYS389 I, DYS389 II, DYS390, DYS391, DYS392, DYS393, DYS437, DYS438,

DYS439, DYS448, DYS458, DYS461, DYS635 এবং GATA H4) এর জিনোটাইপ নির্ধারণ করেছি২৯,৩০। DYS389II থেকে DYS389I (DYS389cd) বিয়োগ করা হয়েছিল এবং সেটিকে '389ab' নাম দেওয়া হয়েছিল, কারণ DYS389II-এর মধ্যে DYS389I-এর পুনরাবৃত্তি সংখ্যা (repeat number) অন্তর্ভুক্ত থাকে। O2a1-M95 বংশধারার উৎপত্তি এবং অভিবাসনের ধরণ পুঙ্খানুপুঙ্খভাবে বিশ্লেষণ করতে, আমরা সমস্ত উপলব্ধ O2a1-M95 Y-STRs উপাত্ত সংগ্রহ করেছি, যা পূর্ব এশিয়া, দক্ষিণ-পূর্ব এশিয়া এবং দক্ষিণ এশিয়ার ১০৭টি ভৌগোলিক জনগোষ্ঠীকে (O2a1-M95 বহনকারী ২,৫১০টি পর্যন্ত নমুনা) কভার করে৯,১২,২০,২১,২২,২৩,২৪,২৬,৩১,৩২,৩৩,৩৪,৩৫,৩৬,৩৭,৩৮ (চিত্র ১, সম্পূরক সারণী S1 এবং S2)।

উপাত্ত বিশ্লেষণ

আমরা ২৫ বছরের একটি প্রজন্ম সময়কাল (generation time) এবং 6.9×10^{-4} পরিব্যক্তি হার (mutation rate) ব্যবহার করে পূর্বে বর্ণিত উপায়ে প্রতিটি জনগোষ্ঠীর Y-STRs বৈচিত্র্য ব্যবহারের মাধ্যমে O2a1-M95 বংশধারার 'সবচেয়ে সাম্প্রতিক সাধারণ পূর্বপুরুষের সময়কাল' বা টিএমআরসিএ (TMRCA) অনুমান করেছি১২,৩৯ (সম্পূরক সারণী S3)। তুলনার সুবিধার্থে, বয়স গণনার সময় আমরা প্রতিটি জনগোষ্ঠীর জন্য তিনটি লোকাই সেট ব্যবহার করেছি: ক) সংশ্লিষ্ট সূত্রে থাকা লোকাইয়ের প্রকৃত সংখ্যা, খ) একটি ৭-লোকাই সেট (DYS19, DYS389 I, DYS389 II, DYS390, DYS391, DYS392 এবং DYS393) এবং গ) একটি ৬-লোকাই সেট (DYS19, DYS389 I, DYS390, DYS391, DYS392 এবং DYS393); এবং বেশিরভাগ জনগোষ্ঠীর ক্ষেত্রে বিভিন্ন গণনার ফলাফলগুলো অত্যন্ত কাছাকাছি এসেছে (সম্পূরক সারণী S4)। একটি ভৌগোলিক অঞ্চলের গড় টিএমআরসিএ (TMRCA) হলো মূলত তার অন্তর্ভুক্ত জনগোষ্ঠীগুলোর গড় (চিত্র ৩)। আমরা GenAlEx 6.3 ব্যবহার করে প্রতিটি জনগোষ্ঠীর নিরপেক্ষ হ্যাপ্লোটাইপ বৈচিত্র্যও অনুমান করেছি। বয়স এবং বৈচিত্র্য অনুমান করার সময়, ১০টির কম নমুনা থাকা O2a1-M95 জনগোষ্ঠীগুলোকে হয় বাদ দেওয়া হয়েছে নতুবা অন্য ঘনিষ্ঠ সম্পর্কিত জনগোষ্ঠীর সাথে যুক্ত করা হয়েছে। সর্বমোট, ১০৫টি এশীয় জনগোষ্ঠীর O2a1-M95 বংশধারার মিলনকাল এবং বৈচিত্র্য গণনা করা হয়েছে (সম্পূরক সারণী S3 এবং S5)।

এমপি (MP) অ্যালগরিদম দ্বারা সমাধানকৃত একটি মিডিয়ান-জয়েনিং নেটওয়ার্ক, Network প্যাকেজ 4.6.1.3 (www.fluxus-engineering.com) ব্যবহার করে তৈরি করা হয়েছিল। ফ্রিকোয়েন্সি এবং নিরপেক্ষ হ্যাপ্লোটাইপ বৈচিত্র্যের ওপর ভিত্তি করে O2a1-M95 ভ্যারিয়েন্স আইসোফ্রিকোয়েন্সি মানচিত্রগুলো 'ক্রিগিং পদ্ধতি' (Kriging procedure) অনুসরণ করে Surfer10 (Golden Software Inc., Golden, USA) এর সাহায্যে তৈরি করা হয়েছিল। গবেষণার অন্তর্ভুক্ত জনগোষ্ঠীগুলোর জন্য Y-STRs-এর জোড়ভিত্তিক পার্থক্যের গড় সংখ্যা Arlequin 3.5৪০ ব্যবহার করে গণনা করা হয়েছিল এবং এনজে-ট্রি (NJ-tree) MEGA 6.0৪১ এর সাহায্যে তৈরি করা হয়েছিল। আমরা MVSP 3.13-এর মাধ্যমে রিচার্ডস এবং তাঁর সহকর্মীদের৪২ উদ্ভাবিত পদ্ধতি অনুযায়ী এমটিডিএনএ (mtDNA) হ্যাপ্লোগ্রুপের ফ্রিকোয়েন্সির ওপর ভিত্তি করে প্রিন্সিপাল কম্পোনেন্ট অ্যানালিসিস (PCA) পরিচালনা করেছি।

পূর্ব এশিয়া এবং দক্ষিণ এশিয়ার জনগোষ্ঠীগুলোর মধ্যে পিতৃবংশীয় এবং মাতৃবংশীয় জিন পুলের তুলনা করার জন্য, আমরা পূর্বে প্রকাশিত এই জনগোষ্ঠীগুলোর প্রায় ২১,৪৭০টি এমটিডিএনএ (mtDNA) সিকোয়েন্স বিশ্লেষণ করেছি (সম্পূরক সারণী S7)।

References

- Macaulay, V. et al. Single, rapid coastal settlement of Asia revealed by analysis of complete mitochondrial genomes. Science 308, 1034–1036, 10.1126/science.1109792 (2005).

Article ADS CAS PubMed Google Scholar

- Su, B. et al. Y-Chromosome evidence for a northward migration of modern humans into Eastern Asia during the last Ice Age. Am. J. Hum. Genet. 65, 1718–1724, 10.1086/302680 (1999).

Article CAS PubMed PubMed Central Google Scholar

- Shi, H. et al. Y-chromosome evidence of southern origin of the East Asian-specific haplogroup O3-M122. Am. J. Hum. Genet. 77, 408–419, 10.1086/444436 (2005).

Article CAS PubMed PubMed Central Google Scholar

- Consortium, H. P.-A. S. et al. Mapping human genetic diversity in Asia. Science 326, 1541–1545, 10.1126/science.1177074 (2009).

Article CAS Google Scholar

- Su, B. et al. Polynesian origins: insights from the Y chromosome. Proc Natl Acad Sci USA 97, 8225–8228 (2000).

Article ADS CAS PubMed PubMed Central Google Scholar

- Jin, L. & Su, B. Natives or immigrants: modern human origin in east Asia. Nat. Rev. Genet. 1, 126–133, 10.1038/35038565 (2000).

Article CAS PubMed Google Scholar

- Zhang, X. et al. Analysis of mitochondrial genome diversity identifies new and ancient maternal lineages in Cambodian aborigines. Nat Commun 4, 2599, 10.1038/ncomms3599 (2013).

Article ADS PubMed Google Scholar

- Lewis, M. P. Ethnologue: languages of the world. Dallas (TX): SIL International. [Internet; cited 2010 Sep],< http://www.ethnologue.com/>(2009).

- Chaubey, G. et al. Population genetic structure in Indian Austroasiatic speakers: the role of landscape barriers and sex-specific admixture. Mol. Biol. Evol. 28, 1013–1024, 10.1093/molbev/msq288 (2011).

Article CAS PubMed Google Scholar

- Kumar, V. et al. Y-chromosome evidence suggests a common paternal heritage of Austro-Asiatic populations. BMC Evol. Biol. 7, 47, 10.1186/1471-2148-7-47 (2007).

Article CAS PubMed PubMed Central Google Scholar

- Sahoo, S. et al. A prehistory of Indian Y chromosomes: evaluating demic diffusion scenarios. Proc Natl Acad Sci USA 103, 843–848, 10.1073/pnas.0507714103 (2006).

Article ADS CAS PubMed PubMed Central Google Scholar

- Sengupta, S. et al. Polarity and temporality of high-resolution y-chromosome distributions in India identify both indigenous and exogenous expansions and reveal minor genetic influence of Central Asian pastoralists. Am. J. Hum. Genet. 78, 202–221, 10.1086/499411 (2006).

Article CAS PubMed Google Scholar

- Kivisild, T. et al. The genetic heritage of the earliest settlers persists both in Indian tribal and caste populations. Am. J. Hum. Genet. 72, 313–332, 10.1086/346068 (2003).

Article CAS PubMed PubMed Central Google Scholar

- Chakravarti, A. Human genetics: Tracing India's invisible threads. Nature 461, 487–488, 10.1038/461487a (2009).

Article ADS CAS PubMed Google Scholar

- Basu, A. et al. Ethnic India: a genomic view, with special reference to peopling and structure. Genome Res. 13, 2277–2290, 10.1101/gr.1413403 (2003).

Article CAS PubMed PubMed Central Google Scholar

- Metspalu, M. et al. Most of the extant mtDNA boundaries in south and southwest Asia were likely shaped during the initial settlement of Eurasia by anatomically modern humans. BMC Genet. 5, 26, 10.1186/1471-2156-5-26 (2004).

Article CAS PubMed PubMed Central Google Scholar

- Reddy, B. M. et al. Austro-Asiatic tribes of Northeast India provide hitherto missing genetic link between South and Southeast Asia. PLoS One 2, e1141, 10.1371/journal.pone.0001141 (2007).

Article ADS CAS PubMed PubMed Central Google Scholar

- Zhang, X. et al. An updated phylogeny of the human Y-chromosome lineage O2a-M95 with novel SNPs. PLoS One 9, e101020, 10.1371/journal.pone.0101020 (2014).

Article ADS CAS PubMed PubMed Central Google Scholar

- Clark, P. U. et al. The Last Glacial Maximum. Science 325, 710–714, 10.1126/science.1172873 (2009).

Article ADS CAS PubMed Google Scholar

- Cai, X. et al. Human migration through bottlenecks from Southeast Asia into East Asia during Last Glacial Maximum revealed by Y chromosomes. PLoS One 6, e24282, 10.1371/journal.pone.0024282 (2011).

Article ADS CAS PubMed PubMed Central Google Scholar

- Li, H. et al. Paternal genetic affinity between Western Austronesians and Daic populations. BMC Evol. Biol. 8, 146, 10.1186/1471-2148-8-146 (2008).

Article CAS PubMed PubMed Central Google Scholar

- Li, D. et al. Paternal genetic structure of Hainan aborigines isolated at the entrance to East Asia. PLoS One 3, e2168, 10.1371/journal.pone.0002168 (2008).

Article ADS CAS PubMed PubMed Central Google Scholar

- Gan, R. J. et al. Pinghua population as an exception of Han Chinese's coherent genetic structure. J. Hum. Genet. 53, 303–313, 10.1007/s10038-008-0250-x (2008).

Article PubMed Google Scholar

- Thangaraj, K. et al. Genetic affinities of the Andaman Islanders, a vanishing human population. Curr. Biol. 13, 86–93 (2003).

Article CAS PubMed Google Scholar

- Trivedi, R. et al. Molecular insights into the origins of the Shompen, a declining population of the Nicobar archipelago. J. Hum. Genet. 51, 217–226, 10.1007/s10038-005-0349-2 (2006).

Article CAS PubMed Google Scholar

- Chandrasekar, A. et al. YAP insertion signature in South Asia. Ann Hum Biol 34, 582–586, 10.1080/03014460701556262 (2007).

Article CAS PubMed Google Scholar

- Zhong, H. et al. Global distribution of Y-chromosome haplogroup C reveals the prehistoric migration routes of African exodus and early settlement in East Asia. J. Hum. Genet. 55, 428–435, 10.1038/jhg.2010.40 (2010).

Article PubMed Google Scholar

- GaneshPrasad, A. et al. A late Neolithic expansion of Y chromosomal haplogroup O2a1-M95 from east to west. Journal of Systematics and Evolution. 1–15 10.1111/jse.12147 (2015).

- Butler, J. M. et al. A novel multiplex for simultaneous amplification of 20 Y chromosome STR markers. Forensic Sci. Int. 129, 10–24 (2002).

Article CAS PubMed Google Scholar

- Kayser, M. et al. Evaluation of Y-chromosomal STRs: a multicenter study. Int J Legal Med 110, 125–133, 141–129 (1997).

Article CAS PubMed Google Scholar

- Delfin, F. et al. The Y-chromosome landscape of the Philippines: extensive heterogeneity and varying genetic affinities of Negrito and non-Negrito groups. Eur J Hum Genet 19, 224–230, 10.1038/ejhg.2010.162 (2011).

Article PubMed Google Scholar

- Hammer, M. F. et al. Dual origins of the Japanese: common ground for hunter-gatherer and farmer Y chromosomes. J. Hum. Genet. 51, 47–58, 10.1007/s10038-005-0322-0 (2006).

Article PubMed Google Scholar

- He, J. D. et al. Patrilineal perspective on the Austronesian diffusion in Mainland Southeast Asia. PLoS One 7, e36437, 10.1371/journal.pone.0036437 (2012).

Article ADS CAS PubMed PubMed Central Google Scholar

- Karafet, T. M. et al. Major east-west division underlies Y chromosome stratification across Indonesia. Mol. Biol. Evol. 27, 1833–1844, 10.1093/molbev/msq063 (2010).

Article CAS PubMed Google Scholar

- Kutanan, W. et al. Genetic structure of the Mon-Khmer speaking groups and their affinity to the neighbouring Tai populations in Northern Thailand. BMC Genet. 12, 56, 10.1186/1471-2156-12-56 (2011).

Article PubMed PubMed Central Google Scholar

- Nonaka, I., Minaguchi, K. & Takezaki, N. Y-chromosomal binary haplogroups in the Japanese population and their relationship to 16 Y-STR polymorphisms. Ann Hum Genet 71, 480–495, 10.1111/j.1469-1809.2006.00343.x (2007).

Article CAS PubMed Google Scholar

- Xue, Y. et al. Male demography in East Asia: a north-south contrast in human population expansion times. Genetics 172, 2431–2439, 10.1534/genetics.105.054270 (2006).

Article CAS PubMed PubMed Central Google Scholar

- Trivedi, R. et al. Molecular insights into the origins of the Shompen, a declining population of the Nicobar archipelago. J. Hum. Genet. 51, 217–226, 10.1007/s10038-005-0349-2 (2006).

Article CAS PubMed Google Scholar

- Zhivotovsky, L. A. et al. The effective mutation rate at Y chromosome short tandem repeats, with application to human population-divergence time. Am. J. Hum. Genet. 74, 50–61, 10.1086/380911 (2004).

Article CAS PubMed Google Scholar

- Excoffier, L., Laval, G. & Schneider, S. Arlequin (version 3.0): an integrated software package for population genetics data analysis. Evol Bioinform Online 1, 47–50 (2005).

Article CAS Google Scholar

- Tamura, K., Stecher, G., Peterson, D., Filipski, A. & Kumar, S. MEGA6: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 6.0. Mol. Biol. Evol. 30, 2725–2729, 10.1093/molbev/mst197 (2013).

Article CAS PubMed PubMed Central Google Scholar

- Richards, M., Macaulay, V., Torroni, A. & Bandelt, H. J. In search of geographical patterns in European mitochondrial DNA. Am. J. Hum. Genet. 71, 1168–1174, 10.1086/342930 (2002).

Article CAS PubMed PubMed Central Google Scholar

- Shi, H. et al. Genetic evidence of an East Asian origin and paleolithic northward migration of Y-chromosome haplogroup N. PLoS One 8, e66102, 10.1371/journal.pone.0066102 (2013).

Article ADS CAS PubMed PubMed Central Google Scholar

Download references

Acknowledgements

We are grateful to all the volunteers for providing blood samples and to Andrew Willden for editing the manuscript. This study was supported by the National 973 Program of China (2012CB518202 to X.Q.), the National Natural Science Foundation of China (31130051 and 91231203 to B.S., 31371268 and 91131001 to H.S. and 31371269 to X.Q.) and the Natural Science Foundation of Yunnan Province (2010CI044 to H.S.).

Author information

Author notes

1. Zhang Xiaoming, Liao Shiyu and Qi Xuebin contributed equally to this work.

Authors and Affiliations

1. **State Key Laboratory of Genetic Resources and Evolution, Kunming Institute of Zoology, Chinese Academy of Sciences, Kunming, 650223, China**

Xiaoming Zhang, Xuebin Qi, Jiewei Liu, Hui Zhang & Bing Su

2. **School of Life Sciences, Anhui University, Hefei, 230039, China**

Shiyu Liao

3. **Institute of Primate Translational Medicine, Kunming University of Science and Technology, Kunming, 650500, China**

Zhaohui Yang & Hong Shi

4. **Yunnan Key Laboratory of Primate Biomedical Research, Kunming, 650500, China**

Zhaohui Yang, Hong Shi & Bing Su

5. **Department of Biology, Faculty of Science, Chiang Mai University, Chiang, 50200, Mai, Thailand**

Jatupol Kampuansai & Daoroong Kangwanpong

6. **Department of Geography and Land Management, Royal University of Phnom Penh, Phnom, 12000, Penh, Cambodia**

Bun Serey, Tuot Sovannary, Long Bunnath & Hong Seang Aun

7. **Capacity Development Facilitator for Handicap International Federation and Freelance Research, Battambang, 02358, Cambodia**

Ham Samnom

8. **Kunming College of Life Science, University of Chinese Academy of Sciences, Beijing, 100101, China**

Jiewei Liu

Contributions

B.S. and H.S. designed the experiment; X.M.Z., X.B.Q., J.K., Z.H.Y., B.S., T.S., L.B., H.S.A., H.S., D.K. and H.S. collected the samples; X.M.Z., S.Y.L. and X.B.Q. collected the data and conducted data analysis; J.W.L. and H.Z. provided technical assistance in the experiments; X.M.Z., X.B.Q., H.S. and B.S. wrote the manuscript.